

# LES CORONAVIROSES DES BOVINS : VIROLOGIE, DIVERSITÉ D'HÔTE ET TRANSMISSION INTERSPECIFIQUE

## CORONAVIRUS INFECTIONS IN CATTLE : VIROLOGY, HOST DIVERSITY AND INTERSPECIES TRANSMISSION

Par Bertrand RIDREMONT <sup>(1)(2)</sup>  
(Manuscrit soumis le 21 Janvier 2021,  
Accepté le 17 Février 2021)

### RÉSUMÉ

Les coronaviroses bovines, dues au coronavirus bovin (BCoV), sont à l'origine de troubles digestifs et respiratoires chez les bovins domestiques et sauvages. On ne distingue qu'un seul sérotype de coronavirus bovin, appartenant au genre *Embecovirus*, même si la variabilité des souches existe au sein de clades, voire de sous-clades. Par ailleurs, des souches « BCoV-like » ont été mises en évidence chez des espèces de ruminants sauvages et domestiques appartenant à la grande famille des Bovidés, notamment les ovins et caprins. La présente publication étudie enfin le potentiel de transmission du coronavirus bovin à d'autres espèces animales et fait le point sur la réceptivité et la sensibilité des bovins à d'autres coronavirus dont le SARS-CoV-2 responsable de la Covid-19.

**Mots-clés :** infection à coronavirus, BCoV, transmission interspécifique.

### ABSTRACT

*Bovine coronavirus infections, due to bovine coronavirus (BCoV), are responsible for digestive and respiratory disorders in domestic and wild cattle. There is only one serotype of bovine coronavirus, belonging to the genus *Embecovirus*, even though the variability of the strains exists within clades, or even sub-clades. In addition, «BCoV-like» strains have been found in wild and domestic ruminant species belonging to the large Bovidae family, including sheep and goats. This publication also examines the potential transmission of bovine coronavirus to other animal species and provides an update on the susceptibility of cattle to other coronaviruses, as SARS-CoV-2 responsible for pandemic Covid-19.*

**Keywords:** coronavirus infection, BCoV, interspecies transmission.

### INTRODUCTION

Les coronaviroses des bovins, décrites depuis les années 1970, sont à l'origine de pathologies digestives et respiratoires des bovins jeunes et adultes, résultant en des pertes économiques très importantes, selon une revue de Valarcher & Hägglund (2010). L'agent pathogène responsable, le coronavirus bovin (BCoV), a été détecté sur tous les continents et l'incidence sérologique élevée suggère que la plupart des bovins ont été

exposés à ce virus durant leur vie productive (Boileau & Kapir, 2010). Le coronavirus bovin est un virus « pneumoentérique » qui infecte les voies respiratoires supérieures et inférieures ainsi que les différents segments de l'intestin des bovins (Saif, 2010). Cette première partie aborde les caractéristiques et propriétés du BCoV, son potentiel de transmission à d'autres espèces animales et à l'homme.

(1) Académie Vétérinaire de France.

(2) Vétérinaire consultant en santé et nutrition des animaux d'élevage.

Courriel : ridremont@bbox.fr

## LE CORONAVIRUS BOVIN

Le coronavirus bovin (BCoV) appartient à la famille des *Coronaviridae*, à la sous-famille des *Orthocoronavirinae*, au genre *Betacoronavirus*, au sous-genre *Embecovirus* et aux espèces *Betacoronavirus 1* (Collectif, 2017). Au niveau de cette classification, le sous-genre *Embecovirus* inclut également des virus isolés chez certaines espèces de rongeurs et chauve-souris (Wong *et al.*, 2019 ; Anses, 2020) (**Tableau 1**). Le coronavirus bovin descendrait d'un virus de la chauve-souris qui se serait adapté chez une espèce de rongeur (Nicola *et al.*, 2020). C'est un virus à ARN, sphérique (diamètre = 120-160 nm), enveloppé, monocaténaire, de sens positif, de 30 kb de long, hémagglutinant et hautement transmissible.

Il renferme plusieurs protéines structurales (Suzuki *et al.*, 2020) : HE (glycoprotéine « hémagglutinin-esterase »), S (glycoprotéine « spike »), E (« small membrane protein »), M (« membrane protein ») et N (« nucleocapsid protein »). La protéine S (pour « spike » ou spicule) est importante, car impliquée dans la reconnaissance des cellules cibles et la pénétration cellulaire ; elle est également la cible des anticorps neutralisants. Initialement, on considérait l'existence de 2 types différents de BCoV en fonction des symptômes : un type entérique (BECV), un type respiratoire (BRCV). Désormais on considère qu'il n'y aurait qu'un seul sérotype de ce virus, malgré les différents syndromes cliniques et transmissions inter-espèces, les divers variants : il n'existerait qu'une faible diversité de séquence entre les coronavirus impliqués dans les diverses formes cliniques chez les bovins domestiques et sauvages (Collectif, 2017). La variabilité, due à la protéine S (Saif, 2010), ne serait pas nécessairement en relation avec l'origine clinique (Hasoksuz *et al.*, 1999). Ainsi par exemple, une identité nucléotidique presque parfaite au niveau de la glycoprotéine HE avait été trouvée au Québec entre des souches de coronavirus bovin isolées à partir de diarrhées néonatales et d'entérite hémorragique hivernale (Kourtesis *et al.*, 2001). En fait, les plus grandes divergences en termes de séquence en acides aminés ainsi qu'au niveau de l'arbre phylogénétique seraient entre la souche historique de référence Mebus (1972) et les isolats plus récents, indépendamment de l'origine clinique (Saif, 2010). S'il

existe une immunité croisée entre les souches de BCoV, certains auteurs ont observé une dérive des souches d'un tropisme digestif vers un tropisme mixte, digestif et respiratoire (Murray *et al.*, 2016). Enfin, Fulton *et al.* (2012), à partir d'isolats de bovins ayant une pathologie respiratoire, avaient classé les souches de BCoV respiratoires en 2 clades, 1 et 2, et 3 sous-clades pour le 2 (a, b, c). Une étude japonaise récente (Suzuki *et al.*, 2020) avait pour objectif de caractériser et de classer des souches de coronavirus bovin à travers un séquençage du génome entier. Ces auteurs ont collecté 67 souches de BCoV issues de bovins d'élevage atteints de diarrhées néonatales ou de troubles respiratoires entre 2006 et 2017. Ils ont d'abord réalisé une analyse phylogénétique du génome global en comparaison de 16 souches de référence issues de GenBank. Ils ont ainsi pu distinguer 2 génotypes majeurs : un génotype classique et un génotype « Ruminants sauvages US » (dans lequel ont été classées les souches japonaises). Ensuite ils ont réalisé le même type d'analyse mais uniquement pour le gène codant pour la protéine S. Ils ont inclus, outre les isolats japonais, des souches provenant d'Amérique, d'Europe et d'Asie, soit un total de 153 souches analysées. Ils ont ainsi distingué 2 types majeurs de virus : un type Européen (dérivé du génotype classique et divisé lui-même en 11 génotypes), un type Américain (dérivé du génotype « Ruminants sauvages US » et divisé en 3 génotypes). Une des conclusions de cette étude est que des coronavirus bovins sous différents génotypes émergent périodiquement et circulent de manière préférentielle dans le pays considéré. Une étude conduite par l'Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse (citée par Salem, 2018) avait pour objectif de séquencer et analyser le génome d'isolats viraux provenant de l'appareil respiratoire superficiel et profond de veaux atteints d'infections respiratoires (élevages naisseurs du Sud-Ouest de la France) ; les auteurs concluent en effet à la divergence dans les années 1960-1970 entre 2 lignées différentes de BCoV : une lignée européenne et une lignée Asie/Amérique, à partir d'un ancêtre commun ayant émergé dans les années 1940. Plus récemment, une souche de BCoV, proche de la souche Mebus, a été isolée sur une population de yacks (*Bos grunniens*) du Tibet (He *et al.*, 2019). Le virus se réplique dans les cellules épithéliales du tractus respiratoire et dans les entérocytes (portion distale de l'intestin grêle et colon) (Valarcher & Hägglund, 2010). Le coronavirus bovin, enveloppé, est considéré comme un virus fragile, moins résistant que le rotavirus : il est sensible au savon, aux détergents et à de nombreux désinfectants. Il est détruit après une exposition d'une heure à 50°C (Valarcher & Hägglund, 2010). Par contre, il reste infectieux pendant 3 jours sur le sol, dans les fèces et les litières (en présence donc de matières organiques) (Boileau & Kapir, 2010). Il peut s'adsorber facilement dans l'argile et le charbon.

Sous-genre	Espèces virales	Espèces hôtes	Références
<b>Embecovirus</b>		<i>Bovidae</i> , <i>Bos frontalis</i> , <i>Kobus ellipsiprymnus</i> et <i>Hippotragus niger</i> , <i>Odocoileus virginianus</i> , <i>Cervus unicolor</i> et autres <i>cervidae</i>	Alekseev <i>et al.</i> (2008) Rajkhowa <i>et al.</i> (2007)
	Coronavirus bovin et apparentés (BCoV, bovine like- CoV)		
	Gi CoV OH3	<i>Giraffa camelopardalis</i>	Hasoksuz <i>et al.</i> (2007)
	ECoV	<i>Equus caballus</i>	Davis <i>et al.</i> (2000)
	PHEV	<i>Sus scrofa domesticus</i>	Greig <i>et al.</i> (1962)
	CrCoV	<i>Canis lupus familiaris</i>	Erles <i>et al.</i> (2003)
	RbCoV HKU14	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	Lau <i>et al.</i> (2012)
	ACoV	<i>Vicugna pacos</i>	Jin <i>et al.</i> (2007)
	HCoV-OC43	<i>Homo sapiens</i>	Hamre <i>et al.</i> (1966)
	HCoV-HKU1	<i>Homo sapiens</i>	Woo <i>et al.</i> (2005)
	Murine coronavirus MHV	<i>Mus musculus</i>	Coley <i>et al.</i> (2005)
	RCV/SDAV coronavirus du rat et virus de la sialodacryoadénite	<i>Rattus rattus</i>	Easterbrook <i>et al.</i> (2008) Miura <i>et al.</i> (2007)

**Tableau 1** : Recensement non exhaustif des *Embecovirus* identifiés à ce jour et de leurs espèces hôtes (extrait de l'Avis complété de la Saisine n° 2020-SA-0037, Anses 2020).

## DIVERSITÉ ET SPECTRE D'HÔTE CHEZ LES RUMINANTS

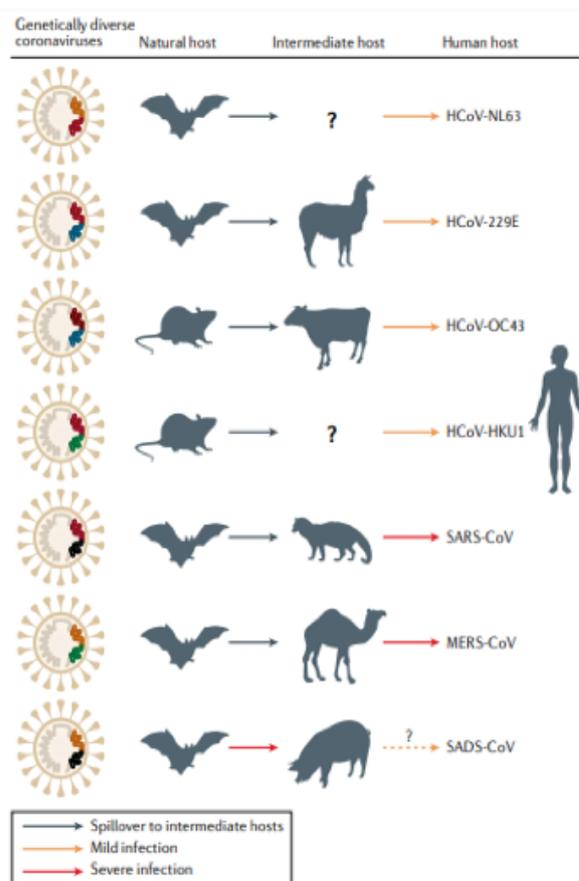
Des coronavirus « BCoV-like » ont été mis en évidence dans les années 1990 chez des espèces de ruminants sauvages : le sambar, le cobe à croissant et l'hippopotame noir. Les souches ainsi isolées et inoculées à des veaux gnotobiotiques privés de prise colostrale ont induit chez ces jeunes bovins domestiques de la diarrhée (Tsunemitsu *et al.*, 1995). Par la suite, certains auteurs ont confirmé la présence de coronavirus bovins chez d'autres espèces de ruminants sauvages : cerf de Virginie, buffle, girafe (Alexseev *et al.*, 2008), mais aussi alpaca et caribou (Saif, 2010). Des souches isolées sur certaines de ces espèces sauvages ont révélé une très forte identité nucléotidique (99,4 - 99,6 %) entre elles et avec les souches de BCoV provenant de bovins domestiques (Alexseev *et al.*, 1998). Une étude de séroprévalence (test par immunofluorescence) avait montré que 6,6 et 8,7 % des sérums de cerfs de Virginie (Ohio) et cerfs hémionides (Wyoming) étaient positifs vis-à-vis du BCoV (Tsunemitsu *et al.*, 1995). Ces études confirment la circulation de souches de coronavirus génétiquement très proches les unes des autres parmi les ruminants sauvages et domestiques. Les ruminants sauvages peuvent être des réservoirs de coronavirus (« BCoV-like ») pour les bovins domestiques, et vice-versa pour les souches de BCoV (Saif, 2010). En outre, la symptomatologie induite par ces coronavirus chez les ruminants sauvages (ou en captivité) peut être très proche de celle observée sur les bovins d'élevage : ce fut le cas pour le sambar et le cobe à croissant, chez lesquels a été observée une diarrhée sanguinolente faisant penser à l'entérite hémorragique d'hiver (Tsunemitsu *et al.*, 1995). Enfin, les scientifiques s'accordent désormais sur le fait que les virus isolés chez les ovins et caprins ont des similarités biologiques, antigéniques et génétiques avec le coronavirus bovin (BCoV) et que ce sont ces souches « BCoV-like » qui circulent sur le terrain chez les petits ruminants (Martella *et al.*, 2015 ; Decaro & Lorusso, 2020 ; cf revue de Ridremont, 2020). Certains auteurs mettent en avant la contamination possible des ovins et caprins à partir de bovins infectés par des souches de BCoV. Gumusova *et al.* (2007) suggèrent d'investiguer, à l'inverse, le rôle des caprins dans la contamination de bovins par des souches de type BCoV. Ainsi, Burimuah *et al.* (2020) n'ont trouvé aucune différence majeure dans la comparaison de séquences nucléotidiques de souches isolées de bovins et de caprins dans des élevages à pratique extensive ou semi-intensive au Ghana.

## TRANSMISSION INTERSPÉCIFIQUE ET POTENTIEL ZONOTIQUE

Dans la taxonomie des virus (ICTV Taxonomy History, 2020), le coronavirus bovin est très proche notamment des virus suivants : le coronavirus respiratoire canin, le coronavirus équin, le coronavirus de l'encéphalomyélite hémagglutinante porcine (PHE) et le coronavirus humain OC43 (responsable de « rhume ») (**Tableau 1**).

Des souches de BCoV ou « BCoV-like » (à tropisme digestif ou respiratoire) ont ainsi pu entraîner des infections, subcliniques

à cliniques, chez le chien ainsi qu'une séroconversion. Des souches, ayant une identité nucléotidique de 95 à 100 % avec le BCoV, ont été isolées de prélèvements nasaux et fécaux de chiens ayant des troubles respiratoires (Saif, 2010). Des souches entériques virulentes de BCoV ont induit une diarrhée modérée chez des poussins des espèces « Poule » et « Dinde ». On peut se poser la question des réservoirs dans cette circulation de coronavirus bovins entre espèces animales (ruminants, chiens et volailles) (Saif, 2010). Le betacoronavirus de l'encéphalomyélite hémagglutinante du porc (PHEV) serait un virus dérivé du coronavirus bovin BCoV (Nicola *et al.*, 2020). Zhang *et al.* (1994) ont isolé à partir d'un enfant atteint d'une diarrhée aiguë un « BCoV-like human enteric coronavirus » (HCoV-4408/USA/1994), ayant 99 % d'identité nucléotidique avec le coronavirus bovin BCoV. Donc des variants du BCoV seraient susceptibles d'infecter des humains. Inversement la souche précédemment évoquée (HCoV-4408) a infecté le tractus respiratoire supérieur et l'intestin de veaux gnotobiotiques, causant diarrhée et lésions intestinales (Saif, 2010). Selon Cui *et al.* (2019), le coronavirus humain HCoV-OC43 (sans danger pour l'homme), dont les hôtes naturels d'origine seraient des rongeurs, aurait eu pour hôtes intermédiaires des bovins (**Figure 1**).



**Figure 1 :** Origines animales des coronavirus humains (Cui *et al.*, 2019).

Enfin, de très récentes études autour de la Covid-19 suggèrent une faible barrière d'espèces entre l'homme et certaines espèces animales dont les bovins, sur la base d'une similarité de la séquence nucléotidique du récepteur ACE2 au SARS-CoV-2 (Sun *et al*, 2020 ; Damas *et al*, 2020) ou de l'étude *in silico* de l'énergie de liaison avec la protéine S du SARS-CoV-2, en utilisant des structures 3D prédites à partir des séquences orthologues de ACE2 (Lam *et al*, 2020). Ces résultats sont confirmés par Luan *et al* (2020) d'une part, Qiu *et al* (2020) d'autre part : les protéines ACE2 des *Bovidae* sont capables de s'associer au RBD (Receptor-Binding-Domain) du SARS-CoV-2, ce qui rangerait la famille des Bovidés dans de potentiels hôtes de ce récent virus ayant causé la pandémie de Covid-19. Enfin, Dabravolski *et al* (2020) ont réalisé une analyse de séquences de glycoprotéines S de différentes espèces animales en regard de 137 génomes de souches de coronavirus entre janvier 2019 et fin mars 2020 : s'ils confirment la proximité génétique du SARS-CoV-2 avec les virus de 2 espèces de chauve-souris, les auteurs, sur la base de l'élaboration de modèles structuraux de la spicule protéique S, trouvent une très bonne correspondance (« matching ») entre un coronavirus du yack (YAK/HY24/CH/2017) et le virus responsable de la Covid-19 sur le plan de la spicule protéique S. Mais, comme le rappelle le document de la FAO (2020), citant Damas *et al* (2020), l'expression du récepteur ACE2 varie selon l'âge des animaux, les types de cellules, les tissus et les espèces, ce qui peut conduire à des écarts entre la sensibilité au SRAS-CoV-2 évaluée lors d'infections expérimentales ou d'expériences de laboratoire et les prédictions théoriques obtenues sur la base d'une estimation de l'affinité de la protéine S (par son domaine de fixation RBD) pour le récepteur ACE2. Di Teodoro *et al* (2021), dans une étude *in vitro* très récente, ont inoculé expérimentalement des cultures cellulaires de trachées et de poumons de bovins domestiques de 18 mois avec 2 souches italiennes de SARS-CoV-2 (dont l'une portait la mutation D614G sur la protéine S) : les auteurs ont observé une réplication active des virus dans ces lignées cellulaires de bovins, avec une magnitude plus intense avec la souche portant la mutation. Par ailleurs, les souches de virus SARS-CoV-2 se fixaient sur les cellules respiratoires des bovins exprimant le récepteur ACE2. Enfin, une étude expérimentale menée *in vivo* (Ulrich *et al*, 2020) a conduit à une infection expérimentale de 6 veaux laitiers Holstein de 4 à 5 mois d'âge, fortement positifs vis-à-vis du coronavirus bovin BCoV, par une souche de SARS-CoV-2 administrée par voie intranasale. Trois autres veaux « naïfs » ont été introduits au contact des veaux infectés, ceci 24 heures après l'inoculation expérimentale. Sur les veaux infectés, il n'a été observé aucun signe clinique, l'état général et la température corporelle restant normaux dans les

jours suivant l'infection. Sur 2 des 6 veaux infectés, une faible réplication virale au niveau nasal (test PCR) ainsi qu'une séroconversion limitée (test Elisa), malgré de forts titres anti-BCoV, ont été mises en évidence. Aucun des veaux « contacts » n'a été infecté. Les auteurs concluent qu'il n'y a pas d'indication que les bovins domestiques jouent un rôle dans la pandémie de Covid-19. Ces observations rejoignent les avis de l'Office International des Epizooties (OIE) au niveau international et de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses) au niveau national. En effet, l'OIE, dans une note technique mise à jour en septembre 2020, considérait l'espèce bovine comme extrêmement peu sensible à l'infection par le SARS-CoV-2 (aucun signe clinique ni rôle dans la transmission). Le groupe d'expertise collectif d'urgence (GECU) « Covid-19 », saisi par l'Anses sur cette question, dans un avis émis le 30 octobre 2020, observe que les résultats de l'étude d'Ulrich *et al* (2020) interrogent sur la réceptivité des bovins, qui seraient en revanche a priori non sensibles au SARS-CoV-2. Des études complémentaires sont cependant nécessaires pour confirmer ces observations. Le GECU note qu'aucune donnée scientifique ne met en évidence une transmission du SARS-CoV-2 depuis le bovin vers une autre espèce et rappelle qu'aucune infection naturelle n'a été rapportée à ce jour (avis mis en ligne le 19 novembre 2020), chez ces animaux. En revanche, une étude récente d'inoculation expérimentale par le SARS-CoV-2 de 6 faons de 6 semaines d'âge de l'espèce *Odocoileus virginianus* (cerf de Virginie, qui n'appartient pas à la famille des Bovidés mais à celle des Cervidés), a montré à la fois une réceptivité et une sensibilité de ces jeunes animaux sauvages au virus humain responsable de la Covid-19 (Palmer *et al*, 2021) : infection virale subclinique, excrétion de virus dans les 3 semaines post-infection, séroconversion dès 7 jours post-inoculation, transmission à des faons « contacts ».

## CONCLUSION

Il conviendrait de suivre plus à l'avenir la circulation du coronavirus bovin entre les populations de ruminants domestiques, sauvages et en captivité, ainsi que l'évolution du tropisme de tissu des souches de terrain. Quant à la potentialité de franchissement de barrière d'espèces avec l'homme et d'autres espèces animales, le contexte actuel de pandémie de Covid-19 conduira à préciser encore le rôle des bovins comme réservoirs d'autres coronavirus ; un autre champ d'investigation pourrait concerner le concept d'immunité croisée entre le coronavirus bovin et d'autres coronavirus animaux ou humains proches en termes phylogénétiques.

## CONFLITS D'INTÉRÊT

L'auteur ne déclare aucun conflit d'intérêt dans la rédaction de cette note qui n'exprime que son opinion personnelle.

## BIBLIOGRAPHIE

- ANSES. Avis de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail relatif au rôle épidémiologique éventuel de certaines espèces animales dans le maintien et la propagation du virus Sars-CoV-2. Autosaisine n° 2020-SA-0059. Version du 16 octobre 2020, publiée le 30 octobre 2020 et mise en ligne le 19 novembre 2020. Disponible sur : <https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2020SA0059-1.pdf>. Consulté le 29 décembre 2020.
- Alekseev KP, Vlasova AN, Jung K, Hasoksuz M, Zhang X, Halpin R, Wang S *et al.* Bovine-Like Coronaviruses Isolated from Four Species of Captive Wild Ruminants Are Homologous to Bovine Coronaviruses, Based on Complete Genomic Sequences. *Journal of Virology*. 2008; 82 (24): 12422-12431.
- Boileau MJ & Kapil S. Bovine Coronavirus Associated Syndromes. *Vet Clin Food Anim*. 2010; 26: 123–146.
- BurimuahV, Sylverkenc A, Owusud M, El-Duaha P, Yeboaha R, Lampteya J *et al.* Sero-prevalence, cross-species infection and serological determinants of prevalence of Bovine Coronavirus in Cattle, Sheep and Goats in Ghana. *Vet Microbiol*. 2020. Disponible sur : <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.108544>. Consulté le 15/04/2020.
- Collectif. Coronaviridae. In: Fenner's Veterinary Virology, 5th ed. McLachlan NJ & Dubovi EJ, editors. New-York: Academic Press; 2017, pp 435-461.
- Cui J, Li F, Shi Z. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nat Rev Microbiol*. 2019; 17: 181–192.
- Dabravolski SA & Kavaloniak YK. SARS CoV 2 : Structural diversity, phylogeny, and potential animal host identification of spike glycoprotein. *J Med Virol*. 2020; 1–5.
- Damas J, Hughes GM, Keough KC, Painter CA, Persky NS, Corbo M. Broad Host Range of SARS-CoV-2 Predicted by Comparative and Structural Analysis of ACE2 in Vertebrates. *bioRxiv*. 2020. Disponible sur <https://doi.org/10.1101/2020.04.16.045302> . Consulté le 20/04/2020.
- Decaro N & Lorusso A. Novel human coronavirus (SARS-CoV-2): a lesson from animal coronaviruses. *Vet Microbiol*. 2020. Disponible sur : <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2020.108693> . Consulté le 16 avril 2020.
- Di Teodoro G, Valleriani F, Puglia I, Monaco F, Di Pancrazio C, Luciani M *et al.* SARS-CoV-2 replicates in respiratory ex vivo organ cultures of domestic ruminant species. *Vet Microbiol*. 2021; 252: 108933. Disponible sur : <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2020.108933>. Consulté le 30 décembre 2020.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). Exposure of humans or animals to SARS-CoV-2 from wild, livestock, companion and aquatic animals. July 2020. FAO Animal Production and Health, paper 181.
- Fulton RW, Ridpath JF, Burge LJ. Bovine coronaviruses from the respiratory tract: Antigenic and genetic diversity. *Vaccine*. 2013; 31:886–892.
- Gumusova OS, Yazici Z, Albayrak H, Çakiroglu D. First report of bovine rotavirus and bovine coronavirus seroprevalence in goats in Turkey. *Vet Glasnik*. 2007; 61: 75- 79.
- Hasoksuz M, Lathrop S, Al-dubaib MA, Lewis P, Saif LJ. Antigenic variation among bovine enteric coronaviruses (BECV) and bovine respiratory coronaviruses (BRCV) detected using monoclonal antibodies. *Arch Virol*. 1999; 144: 2441–2447.
- He Q, Guo Z, Zhang B, Yue H, Tang C. First detection of bovine coronavirus in Yak (*Bos grunniens*) and a bovine coronavirus genome with a recombinant HE gene. *J Gen Virol*. 2019; 100: 793-803.
- ICTV Taxonomy History : Cornidovirineae. 2020. Disponible sur : <https://talk.ictvonline.org/taxonomy/>. Consulté le 8 avril 2020.
- Kourtesis AB, Gélinas AM, Dea S. Genomic and antigenic variations of the HE glycoprotein of bovine coronaviruses associated with neonatal calf diarrhea and winter dysentery. *Arch Virol*. 2001; 146: 1219–1230.
- Lam S, Bordin N, Waman VP, Scholes HM, Ashford P, Sen N *et al.* SARS-CoV-2 spike protein predicted to form stable complexes with host receptor protein orthologues from mammals, but not fish, birds or reptiles. *bioRxiv*. 2020; 05.01.072371. Disponible sur <https://doi.org/10.1101/2020.05.01.072371>. Consulté le 9 novembre 2020.
- Luan J, Jin X, Lu Y, Zhang L. SARS-CoV-2 spike protein favors ACE2 from Bovidae and Cricetidae. *J Med Virol*. 2020. Disponible sur : <https://doi.org/10.1002/jmv.25817>. Consulté le 10 avril 2020.
- Martella V, Decaro N, Buonavoglia C. Enteric viral infections in lambs or kids. *Vet Microbiol*. 2015; 181: 154–160.
- Murray GM, O'Neill RG, More SJ, Mc Elroy MC, Earley B, Cassidy JP. Evolving views on bovine respiratory disease: An appraisal of selected key pathogens – Part 1. *Vet J*. 2016; 217: 95–102.
- Nicola D, Vito M, Saif LJ, Canio B. COVID-19 from veterinary medicine and one health perspectives: what animal coronaviruses have taught us. *Res Vet Sci*. 2020. Disponible sur : <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2020.04.009>. Consulté le 8 avril 2020.
- Office International des Epizooties (OIE). Infection with Sars-CoV-2 in animals. OIE Technical Factsheet. Updates September 2020. Disponible sur : [https://www.oie.int/fileadmin/Home/MM/EN\\_Factsheet\\_SARS-CoV-2\\_v8\\_final.pdf](https://www.oie.int/fileadmin/Home/MM/EN_Factsheet_SARS-CoV-2_v8_final.pdf) . Consulté le 29 décembre 2020.
- Palmer MV, Martins M, Falkenberg S, Buckley A, Caserta LC, Mitchell PK *et al.* Susceptibility of white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*) to SARS-CoV-2. *bioRxiv preprint*. 2021. Disponible sur : <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.01.13.426628v1.full.pdf>. Consulté le 18 janvier 2021.
- Qiu Y, Zhao Y, Wang Q, Li J, Zhou Z, Liao C. Predicting the angiotensin converting enzyme 2 (ACE2) utilizing capability as the receptor of SARS-CoV-2. *Microbes and Infection*. 2020. Disponible sur : <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2020.03.003>. Consulté le 9 avril 2020.
- Ridremont (B). Les coronavirus des petits ruminants. *Bull Acad Vét France*. 2020. Disponible sur : <https://doi.org/10.4267/2042/70848>.
- Saif LJ. Bovine Respiratory Coronavirus. *Vet Clin North Am Food Anim Pract*. 2010; 26(2): 349–364.
- Salem E. Bronchopneumonies infectieuses des jeunes bovins: de la complexité du microbiome aux particularités évolutives et cliniques de virus respiratoires encore méconnus. Thèse de Doctorat d'Université. Toulouse : Institut National Polytechnique de Toulouse (INP Toulouse). 2018, 320 p.
- Sun J, He W, Wang L, Lai A, Ji X, Zhai X *et al.* COVID-19: Epidemiology, Evolution, and Cross-Disciplinary Perspectives. *Trends in Molecular Medicine*. 2020. Disponible sur : <https://doi.org/10.1016/j.molmed.2020.02.008>. Consulté le 10 avril 2020.
- Suzuki T, Otake Y, Uchimoto S, Hasebe A, Goto Y. Genomic Characterization and Phylogenetic Classification of Bovine Coronaviruses Through Whole Genome Sequence Analysis. *Viruses*. 2020; 12, 183. Disponible sur : <https://doi.org/10.3390/v12020183>. Consulté le 8 avril 2020.

- Tsunemitsu H, El-Kanawati ZR, Smith DR, Reed HH, Saif LJ. Isolation of Coronaviruses Antigenically Indistinguishable from Bovine Coronavirus from Wild Ruminants with Diarrhea. *J Clin Microbiol.* 1995; 33 (12): 3264-3269.
- Ulrich L, Wernike K, Hoffmann D, Mettenleiter TC, Beer M. Experimental infection of cattle with SARS-CoV-2. *Emerging Infectious Diseases.* 2020; 26 (12): 2979-2981.
- Valarcher JF & Hägglund S. Bovine coronavirus. In: *Infectious and Parasitic Diseases of livestock, vol.2.* Lefèvre PC, Blancou J, Chermette R, Uilenberg G, editors. Lavoisier; 2010: 545-552.
- Wong ACP, Li X, Lau SKP, Woo PCY. Global Epidemiology of Bat Coronaviruses. *Viruses.* 2019; 11(2): 1-17.
- Zhang XM, Herbst W, Kousoulas KG, Storz J. Biological and Genetic Characterization of a Hemagglutinating Coronavirus Isolated from a Diarrhoeic Child. *J Med Virol.* 1994; 44: 152-161.

EARLY-VIEW  
BAVF